**IDENTIFICATION**

**Species:** *Manihot esculenta*

**Locus:** Manes.09G143300

**Gene Model:** Manes.09G143300.1

**Description:** MsEXPA-25

**Family:** AlphaExpansin

**3D structure:**

****

**GENOME DATABASES**

Phytozome: <https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Mesculenta_v7_1>

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/T05761>

**EXTERNAL RESOURCES**

<https://cassavagenome.org/>

<https://cassavabase.org/>

**GENE STRUCTURE**

****

**DOMAIN ARCHITECTURE**



**SEQUENCES**

**Peptide**

>MsEXPA-25

MDFLGIYLITLLAISKRIDGYAGGGWSNAHATFYGGGDASGTMGGACGYGNLYSQGYGTNTAALSTALFNNGLTCGACFEIRCVNDARWCSSGSIVVTATNFCPPNNALPSNAGGWCNPPLPHFDLSQPVFQHIAHYKAGIVPVQYRRAACRKIGGIRFTVNGHSYFNLVLITNVGGAGDVVSVSIKGSRTGWQPMSRNWGQNWQSNSYLNGQALSFKVTTSDGHSISNDVAPPNWAFGQTFTGRQF\*

**CDS (coding sequence)**

>MsEXPA-25

ATGGATTTCTTGGGAATTTATCTAATAACCCTTCTAGCCATTTCCAAAAGAATTGATGGGTATGCAGGTGGTGGATGGTCTAATGCCCATGCTACCTTCTATGGAGGTGGTGATGCTTCTGGTACAATGGGAGGAGCTTGTGGTTATGGCAACCTTTACAGCCAAGGCTATGGAACAAACACAGCTGCATTGAGCACTGCTCTATTCAACAATGGACTAACTTGTGGAGCATGTTTTGAAATCAGATGTGTAAATGATGCCAGGTGGTGCTCATCAGGCTCCATAGTTGTCACAGCAACAAATTTTTGCCCTCCAAACAATGCTCTTCCAAGCAATGCAGGTGGCTGGTGCAATCCTCCTTTGCCGCACTTTGATCTTTCTCAGCCTGTTTTTCAACACATAGCTCACTACAAAGCAGGAATAGTCCCTGTTCAATACAGAAGGGCAGCTTGTCGGAAAATTGGAGGAATAAGATTCACTGTAAATGGTCATTCATACTTCAACCTTGTACTTATAACCAACGTTGGTGGTGCTGGTGATGTTGTGTCTGTCTCCATCAAAGGATCAAGAACTGGCTGGCAACCAATGTCTCGCAATTGGGGCCAAAATTGGCAAAGCAACTCTTACCTTAATGGGCAAGCACTCTCTTTTAAGGTCACAACAAGTGATGGGCACTCCATCTCCAACGATGTTGCTCCCCCCAACTGGGCTTTTGGCCAGACCTTTACTGGCAGACAGTTTTAG

**Nucleotide**

>MsEXPA-25

CTTTTACTAGCTTTTTATATGTGTTTCTTACATAATGGAATTTAGCATTAACAACACAAATCAAATAATTACAGTCAAGCAAAGAGAGTCTTTTTTGCTAATCTAGTGCTTTCTGAAGCTTTACATCTTCCCTTTTCTTTTATAAAAAAAGAGCAGGCGGCTAAAGTTTGTCAACTCCATAAAATGACAGGCATAGAAGATGTGTCAATTATGCTTTGCTTTTTGGTCTCATAATTTAATCCTGCGTGCATGGGCTATAACCTTTAGCAAGCATTATTTCATAATTTTTTTTTTCTCTTTAGTCTTTTACTCATCTATAAATATAGCTTCTTCTTCACATACCATCCCTTACCTTTTCCTGTCAATTGACTCCTGCAATCCAAGCTGATTTCTACAAGTTCAACCAACTTTTGTAAGCACAAATCCATCATCATTTCTCTACTGTTTCATCATATCAGTTACTATCACAAAAGTATAGCAGTACTTCTAAATTGTCTCATCTTTTCTGCTTAATTTTGCAGGACATGGATTTCTTGGGAATTTATCTAATAACCCTTCTAGCCATTTCCAAAAGAATTGATGGGTATGCAGGTGGTGGATGGTCTAATGCCCATGCTACCTTCTATGGAGGTGGTGATGCTTCTGGTACAATGGGTAAGAACTAACAACAACCCAATAAAAAGCTATGAATAAGCATTTTCTTACCATATGCATAGTTCTTGGCTCAAGCAAATTGATGGTTTGATTGCTGCAGGAGGAGCTTGTGGTTATGGCAACCTTTACAGCCAAGGCTATGGAACAAACACAGCTGCATTGAGCACTGCTCTATTCAACAATGGACTAACTTGTGGAGCATGTTTTGAAATCAGATGTGTAAATGATGCCAGGTGGTGCTCATCAGGCTCCATAGTTGTCACAGCAACAAATTTTTGCCCTCCAAACAATGCTCTTCCAAGCAATGCAGGTGGCTGGTGCAATCCTCCTTTGCCGCACTTTGATCTTTCTCAGCCTGTTTTTCAACACATAGCTCACTACAAAGCAGGAATAGTCCCTGTTCAATACAGAAGGTAATTAATAACATCAAATTTTCTACAATTCAGAGTAATTGATTGTTTATTATGGTATCAGAATCAGAGATATCTACTGTAATCAAATTGCAGGGCAGCTTGTCGGAAAATTGGAGGAATAAGATTCACTGTAAATGGTCATTCATACTTCAACCTTGTACTTATAACCAACGTTGGTGGTGCTGGTGATGTTGTGTCTGTCTCCATCAAAGGATCAAGAACTGGCTGGCAACCAATGTCTCGCAATTGGGGCCAAAATTGGCAAAGCAACTCTTACCTTAATGGGCAAGCACTCTCTTTTAAGGTCACAACAAGTGATGGGCACTCCATCTCCAACGATGTTGCTCCCCCCAACTGGGCTTTTGGCCAGACCTTTACTGGCAGACAGTTTTAGCCAAAACTAACCGAAATCACTTAGAAAAATGGCCCCCTAATGGTAATTAGCACTGATTAACTATAATTGATCTGTATTCTTTGTGATGTAATAGTATTTGTAATATAATGACAATGGTGTCATAGCAAATGGGTCCTTTTAGCCATGGCTCTGAAATGCTTTTGTTTCATGTTGTTTACACCCTATGACAGGGTTGGTGTCTTGTTATGATCAAAGATCATGTTTCAGGTTTGGGAGATAATCCCAGGATTTATTAGTGGTTTTATTTATAGTAAGGAGGAATATTTGTAGTAAATTTCCTTCTCAGAATGCAGTGATGAGAAGTGTTGATGGTGTGTAGTTTTTAGTTCATTGTATTTTAGGGCTTTTAGCTGGGAAGTGTCACTTTGTATTGTAAATTCAATCATGGAGATGAAAGAGTAAATGGGAATATAACATATATTCTCTGATCTGAGCCTCTACACAAATATTCTCTTTAGAACCATACCATGAGTGGTTTTGCTTAATGGCTTGCTTACTATTGCTGCACAAAATAAAAGATATTCAAATGTATTAAATACACCTTTATAAATTTTTTAATTATACATATTTTTAATTAAAA